

1 « Nouveaux moyens pour la prévention des leishmanioses »

L'invention a pour objet de nouveaux moyens pour la prévention des leishmanioses chez l'animal et chez l'homme.

5 Elle vise en particulier des molécules d'acides nucléiques codant pour des facteurs de virulence ou de pathogénicité chez *Leishmania* et leur utilisation pour produire de tels facteurs afin d'élaborer des compositions vaccinales contre les leishmanioses.

Les leishmanioses représentent l'une des six maladies parasitaires 10 majeures et sont considérées, à ce titre, comme prioritaires par l'Organisation Mondiale de la Santé (O.M.S). Les leishmanies existent sous la forme promastigote extracellulaire, à l'intérieur du tube digestif de l'insecte vecteur (le phlébotome), et sous la forme amastigote intracellulaire, chez l'hôte mammifère. Plusieurs molécules, dont les lypophosphoglycanes (LPG) ou une métalloprotéase appelée gp63, semblent 15 jouer un rôle important dans le pouvoir infectieux et la pathogénicité du parasite. Plus récemment, une famille de glycoprotéines appelées antigènes de surface de promastigotes, PSA (pour "Promastigote Surface Antigens"), a suscité un intérêt nouveau. Ces PSA sont caractérisées par la présence de motifs répétés riches en leucine pouvant intervenir dans les interactions de type protéine/protéine et 20 confèrent une immunité protectrice à médiation cellulaire de type Th 1 chez la souris. Chez des organismes, tels que les bactéries ou les plantes, il est apparu que les PSA étaient impliquées dans des fonctions comme l'adhésion cellulaire, la résistance aux pathogènes et la transduction de signaux.

Cependant, aucun rôle biologique n'a été décrit, ni suggéré, chez 25 *Leishmania*.

Ce rôle a pu être étudié par les inventeurs grâce à la technique qu'ils détiennent pour cultiver des promastigotes et des amastigotes de *Leishmania* dans des conditions asériques et axéniques, avec un milieu totalement défini, c-à-d dont les constituants sont tous identifiés, et qui fait l'objet du brevet FR 93 05 779 du 13 mai 30 1993 au nom de l'IRD (ex. ORSTOM). La maîtrise de ce procédé leur permet de disposer de formes parasitaires dépourvues des contaminants apportés jusqu'alors

par les milieux de culture, et de déterminants antigéniques sous une forme hautement purifiée.

Dans ledit brevet FR de la Demanderesse, on a déjà décrit l'isolement et l'identification d'une PSA ^{excrétée/ secrétée (antigène d'excrétion/ sécrétion ou AES en abrégé)} de 38 kDa et de 45 kDa dans le surnageant de culture de *L. amazoniensis*.

Les inventeurs ont à présent isolé et cloné l'ADNc codant pour cette protéine et procédé à l'évaluation de son rôle dans la biologie du parasite en mettant au point une stratégie de transgénèse additionnelle. Ces travaux ont permis de mettre en évidence l'implication de cette PSA en tant que facteur de virulence et/ou de pathogénicité et d'élaborer des constructions permettant de surexprimer le gène de *Leishmania* codant pour cette PSA, ce qui permet de développer des moyens pour l'obtention de compositions vaccinales contre les *leishmanioses*.

L'invention a donc pour but de fournir des séquences d'acides nucléiques capables de coder pour des PSA de formes promastigotes et de formes amastigotes de *Leishmania*, constituant des facteurs de virulence et/ou de pathogénicité.

Elle vise tout particulièrement à fournir des vecteurs de surexpression de ces PSA, ainsi que des parasites génétiquement modifiés.

L'invention vise en outre les surnageants des milieux de culture des PSA obtenues, ainsi que les PSA isolées, purifiées, et la mise à profit de leurs propriétés pour élaborer des compositions vaccinales contre les *leishmanioses*.

Les séquences d'acides nucléiques de l'invention correspondent à des acides nucléiques isolés capables de coder pour une PSA de formes promastigotes ou de formes amastigotes de *Leishmania*, lesdits acides nucléiques répondant à l'une des séquences SEQ ID N°1, SEQ ID N°2, SEQ ID N°3, SEQ ID N°4, SEQ ID N°5 et SEQ ID N°11 et codant pour des PSA de séquences, respectivement, SEQ ID N°6, SEQ ID N°7, SEQ ID N°8, SEQ ID N°9, SEQ ID N°10 et SEQ ID N°12.

Les séquences d'acides nucléiques de l'invention sont plus spécialement des séquences de clones d'ADNc appartenant à une famille répondant aux caractéristiques illustrées par la figure 2 et comprenant en particulier un site de restriction *Sal*II et deux sites de restriction *Hind*III, avec un codon stop situé en aval du premier site *Hind*III.

L'invention vise en particulier les clones d'ADNc de ladite famille comportant un site de restriction *EcoRV* et/ou *PstI* entre les deux sites *Sall* et *HindIII*, ou de part et d'autre du site *Sall*.

L'invention vise également les protéines immunogènes isolées, 5 caractérisées en ce qu'elles présentent une séquence telle que codée par les acides nucléiques définis ci-dessus. Elle vise en particulier les protéines répondant aux séquences SEQ ID N°6, SEQ ID N°7, SEQ ID N°8, SEQ ID N°9, SEQ ID N°10 ou SEQ ID N°12.

Ces protéines appartiennent à la famille dite des antigènes de surface de 0 promastigotes (PSA en abrégé) et possèdent des régions caractéristiques illustrées sur les figures 3A et 3B. Ces protéines peuvent être modifiées post-traductionnellement par des N-glycosylations, phosphorylations et l'ancre d'un GPI. Elles possèdent un peptide signal hydrophobe en position carboxy-terminale.

Par clonage directionnel des séquences définies ci-dessus dans un 5 vecteur d'expression, les inventeurs ont obtenu des constructions permettant de les exprimer en position sens.

L'invention vise donc des constructions d'acides nucléiques, caractérisées en ce qu'elles comportent des acides nucléiques isolés en position sens, capables de coder pour une protéine immunogène de formes promastigotes ou de formes 10 amastigotes de *Leishmania*, ces protéines répondant à l'une des séquences SEQ ID N°6, SEQ ID N°7, SEQ ID N°8, SEQ ID N°9, SEQ ID N°10 et SEQ ID N°12.

L'invention vise notamment les constructions d'acides nucléiques comportant des séquences de clones d'ADNc appartenant à une famille répondant aux caractéristiques illustrées par la figure 2 et comprenant en particulier un site de restriction *Sall* et deux sites de restriction *HindIII*, avec un codon stop situé en aval du premier site *HindIII*.

Les clones d'ADNc comportant un site de restriction *EcoRV* et/ou *PstI* entre les deux sites *Sall* et *HindIII*, ou de part et d'autre du site *Sall* sont particulièrement préférés.

Des constructions particulièrement avantageuses comportent comme séquences d'acides nucléiques, une séquence choisie parmi SEQ ID N°1, SEQ ID N°2,

SEQ ID N°3, SEQ ID N°4, SEQ ID N°5 et SEQ ID N°11, ces séquences codant respectivement pour des protéines de séquences SEQ ID N°6, SEQ ID N°7, SEQ ID N°8, SEQ ID N°9, SEQ ID N°10 et SEQ ID N°12.

Des constructions préférées comportent lesdites séquences d'acides nucléiques dans un plasmide à multiplication rapide tel que pTex.

Elle vise également les souches de *Leishmania* transfectées par de telles constructions qu'il s'agisse de formes promastigotes, ou de formes amastigotes.

Des souches transfectées préférées, compte tenu des applications vaccinales visées, sont des souches de *L.infantum*.

De manière avantageuse les PSA sont produites en grande quantité, de manière constitutive, dans les parasites.

L'invention vise également un procédé de transfection d'un parasite de *Leishmania*, caractérisé en ce qu'on introduit dans le parasite de *Leishmania* un vecteur tel que défini plus haut, comportant un marqueur, on sélectionne les parasites transfectés grâce audit marqueur, on les met en culture dans un milieu axénique et asérique totalement défini et on récupère le surnageant de culture qui renferme les protéines immunogènes présentes dans des concentrations de l'ordre de 10 à 20 fois supérieures à celle produite par la souche mère de *Leishmania*.

L'introduction du vecteur dans le parasite est par exemple réalisée par électroporation.

L'insertion de ces acides nucléiques dans les parasites permet d'augmenter le pouvoir infectieux de ces derniers : leur capacité à survivre dans le macrophage infecté et à s'y multiplier est supérieure jusqu'à 5 fois celle du parasite non transfecté par de tels acides nucléiques.

Lesdites PSA sont produites en grande quantité dans le surnageant du milieu de culture des parasites. L'invention vise donc également les surnageants des milieux de cultures desdits parasites génétiquement modifiés, ainsi que les PSA isolées à partir de ces surnageants et purifiées.

L'invention fournit ainsi des moyens de grand intérêt pour répondre à la demande industrielle de disposer de quantités importantes de protéines constituant des facteurs de virulence/pathogénicité chez les *Leishmanies*.

Grâce à leur pouvoir immunogène, ces protéines permettent d'obtenir, après immunisation d'animaux selon des techniques classiques, des anticorps polyclonaux et d'élaborer des anticorps monoclonaux. L'immunisation de souris a ainsi permis d'obtenir des anticorps anti Ig G2A et celle de chien des anticorps IgG2.

5 L'invention vise donc également de tels anticorps et mise à profit de leurs propriétés pour élaborer à une échelle exportable industriellement des compositions vaccinales contre les *leishmanies* chez l'homme ou animal.

Les applications diagnostiques de ces anticorps font également partie de l'invention.

0 D'autres caractéristiques et avantages de l'invention seront donnés dans les exemples qui suivent dans lesquels il sera fait référence aux figures 1 à 8, qui représentent, respectivement :

- la figure 1, l'alignement en 3' des séquences nucléotidiques de clones d'ADNc selon l'invention ;
- la figure 2, un schéma récapitulatif des séquences nucléotidiques des clones d'ADNc obtenus après criblage immunologique par un anticorps monoclonal anti-AES des banques d'expression des formes promastigotes et des formes amastigotes de *L. amazonensis*. Les sites des enzymes de restriction sont indiqués au-dessus de chaque séquence ;
- la figure 3A, la localisation de différentes régions protéiques, caractérisées par leur composition particulière en acides aminés, présentes sur la séquence protéique déduite de l'ADNc du clone A3B, et la figure 3B une représentation schématique de la séquence protéique déduite de l'ADNc du clone A3B codant pour une PSA ;
- la figure 4, les analyses des transcrits par RT-PCR chez les formes promastigotes (P) et amastigotes (A) ;
- la figure 5, le niveau de production de la protéine par western-blotting, à l'aide d'un anticorps anti-PSA,
- la figure 6, l'effet de la surexpression d'une PSA de *L. amazonensis* sur le pouvoir infectieux des parasites,

- la figure 7, les séquences nucléotidiques SEQ ID N°1 à 5 et 11, respectivement des clones A3B, 2C1, 1A1, 2G1, W2, de promastigotes et d'amastigotes de *L.amazonensis* et IJ11 de promastigotes de *L.infantum*, et les séquences d'acides aminés codées correspondantes SEQ ID N°6 à 10 et 12, et

5 - la figure 8, l'indice parasitaire déterminé au cours de l'infection *in vitro* de macrophages canins par une souche sauvage ou des clones sélectionnés de promastigotes de *L.infantum* à différents temps d'incubation.

0 1 - Caractérisation moléculaire des immunogènes majeurs des AES des formes promastigotes et amastigotes de *L. amazonensis*. (Lma en abrégé)

Cette caractérisation a été effectuée en criblant des banques d'expression d'ADNc des formes promastigotes et des formes amastigotes de *L. amazonensis* à l'aide d'un anticorps monoclonal dirigé contre l'immunogène majeur des AES.

- Caractéristiques des banques d'ADNc :

5 Deux banques d'expression d'ADNc, respectivement de formes promastigotes, et de formes amastigotes de *L. amazonensis* ont été réalisées. Les caractéristiques de ces banques sont présentées au tableau I. Les parasites de phase exponentielle et stationnaire ont été mélangés afin d'avoir accès aux différents transcrits pouvant être exprimés au cours des différentes étapes de leur culture *in vitro*. 5 x 10⁴ phages par banque ont ensuite été criblés immunologiquement avec l'anticorps monoclonal F5 dilué au 1/500^{ème}. L'obtention de cet anticorps fait l'objet de l'exemple dans le brevet FR mentionné ci-dessus.

Tableau I

Banque d'ADNc Lma LES J4 + J7	Promastigotes	Amastigotes
récoltes J4 + J7	7,8.10 ⁹	7,8.10 ⁹
Titration après packaging	350 000	500 000
Titre après amplification	8,32.10 ⁷ ph/ul	2,16.10 ⁸ ph/ul

J4 + J7 = parasites récoltés au 4^{ème} jour, en phase exponentielle, et au 7^{ème} jour, en phase stationnaire de leur croissance.

- Isolement et séquençage des clones reconnus par l'anticorps monoclonal F5

13 clones de la banque promastigote et 11 clones se sont révélés positifs de la banque amastigote se sont révélés positifs. Tous ces clones ont été isolés par criblage secondaire et tertiaire.

L'ADN plasmidique de l'ensemble des clones isolés a été analysé après 5 différentes digestions enzymatiques et les ADNc possédant des inserts de plus grande taille, par digestion *EcoRI/Xhol*, ont été retenus afin d'éliminer les ADNc trop tronqués en 5'. Comme le montre le tableau II, les clones 1A1, 1B1, 2B3, 2C1, 2D1 et 2E1 de la banque d'ADNc de promastigotes et les clones A3B, V4A, V5, W2 et W3 de la banque d'amastigotes présentent les inserts de plus grande taille.

0 L'analyse de ces clones, en déterminant la présence ou non de deux sites d'enzymes de restriction (*Hind*III et *Sal*I) préalablement sélectionnés, a montré qu'ils présentaient une forte homologie de leur séquence nucléotidique.

Par double digestion *Hind*III/*Sall*, trois classes différentes de clones ont été mises en évidence avec un fragment *Hind*III/*Sall* d'une taille, respectivement, 5 inférieure à 400 pb (clone 2G1), de 500 pb (clones de type 2C1 et A3B) ou de 600 pb (clones de type 1A1 ou W2). Ainsi cinq types de clones, choisis selon les caractéristiques particulières de leur ADN (la taille de l'insert et la localisation de certains sites d'enzyme de restriction) sont représentés en caractère gras dans le tableau II.

Tableau II

Banque d'ADNc de promastigotes de *Lma*

<i>Hind</i> III/ <i>Sal</i> I (pb)	600	600	500	N	N	N	600	500	500	500	N	<400	N
Expression de protéine recombinant e													
(kDa)	45	/	40	/	/	/	/	42,5	/	/	39	?	18

Banque d'ADNc amastigotes de *Lma*

Clones ADNc	A3B	V1B	V2D	V3A	V4A	V5	W1A	W1C	W2	W3	W5	
EcoRI/Xhol (kb)	2,3	2-2,2	2,2	?	2,3	2,3	2	2	2,3	2,2	1,7	
Carte de restriction												
<i>Sal</i> I	O	O	O	N	O	O	N	N	O	O	N	
<i>Hind</i> III	1,1	1,1	1,1	1,1	1,1	1,1	1,1	1,1	1,1	1,1	1,1	
<i>Hind</i> III/ <i>Sal</i> I (pb)	505	500	500	N	500	500	N	N	600	500<	N	
Expression de protéine recombinante												
(kDa)	42,5	/	36,5	/	36,5	43	/	/	45	/	/	

O= oui, pour site présent ; N= non, pour site absent ; / = réalisé ; ? = résultat non obtenu.

Le tableau II donne également les résultats relatifs à la capacité des clones à exprimer une protéine recombinante. L'IPTG a été utilisé comme agent d'induction. Les échantillons ont été analysés par SDS-PAGE et immunoblot en présence de l'anticorps anti-AES des formes promastigotes et/ou des formes amastigotes, préalablement absorbé en présence de lysat de *E. coli*. On obtient des résultats équivalents. On note pour les clones d'intérêt l'expression de différentes

protéines recombinantes allant de 42,5 kDa de poids moléculaire apparent (clone 2C1), à 43 kDa (clone A3B) ou 45 kDa (1A1 et W2).

On rapporte sur le document "Listage des séquences", les résultats du séquençage :

- 5 - des trois types de clones suivants de la banque promastigote :
- . le clone de type 1A1 (SEQ ID N°3), qui exprime une protéine de séquences SEQ ID N°8 de plus grand poids moléculaire. Les clones de type 1B1 et 2B3 sont du même type que ce clone ;
 - . le clone 2C1 (SEQ ID N°2), qui exprime une protéine recombinante de
 - 10 poids moléculaire inférieur à celle du clone 1A1, présentant une séquence SEQ ID N°7.
 - . le clone 2G1 (SEQ ID N°4), qui a la particularité de posséder un petit fragment *HindIII/SalI*, qui exprime une protéine recombinante de poids moléculaire inférieur à celle du clone 1A1, présentant une séquence SEQ ID N°9.
- 15 - des deux clones suivants de la banque amastigote :
- . les clones de type A3B (SEQ ID N°1), qui expriment une protéine recombinante d'environ 43 kDa, de séquence SEQ ID N°6 et possèdent un fragment *HindIII/SalI* de 500 pb, le clone V5 apparaissant identique. Les clones V2D et V4A sont considérés comme des clones tronqués du même type ;
 - . le clone W2 (SEQ ID N°5), qui exprime une protéine recombinante de 45 kDa, de séquence SEQ ID N°10 et qui présente un fragment *HindIII/SalI* de 600 pb.

Etude des cinq séquences d'ADNc

L'alignement des cinq séquences d'ADNc obtenues est représenté à la figure 1 où les différences entre ces clones sont seulement dues à la présence d'une séquence tronquée en 5' et/ou l'insertion de séquences d'environ 72 nucléotides du côté 5'. Les clones présentent ainsi une (clones 2C1 et A3B) ou trois (clones 1A1 et W2) insertions. Hormis ces zones d'insertions, les clones présentent des homologies de l'ordre de 99% et peuvent être considérés comme appartenant à une famille d'ADNc. Seul le clone A3B possède le codon ATG d'initiation, les autres clones étant tronqués en 5'. Cependant l'ADNc A3B ne possède pas la séquence de 39 nt codant pour le "splice leader" retrouvée en 5' sur tous les ARNm de *Leishmania*.

Les ADNc des clones A3B et 2C1 présentent une homologie quasi totale et sont donc considérés comme identiques, l'ADNc du clone 2C1 correspondant à une partie tronquée en 5' de l'ADNc du clone A3B.

Le clone A3B, représentatif de cette famille a fait l'objet d'un séquençage 5 entier dans les deux sens.

On a rapporté sur la figure 2 les sites des enzymes de restrictions pour chacun de ces clones.

Les séquences SEQ ID N°1 à 5, correspondent respectivement à celles des ADNc de A3B, 2C1, 1A1, 2G1, W2.

0 - Analyse des différentes séquences protéiques déduites

La traduction des différentes séquences d'ADNc en séquences protéiques a été réalisée en choisissant le cadre de lecture correspondant à celui suggéré par la position du codon d'initiation sur le plasmide pB-SK, dont la transcription est sous le contrôle du promoteur du gène *lacZ* soumise à l'induction 5 par l'IPTG.

La protéine A3B présente les régions illustrées sur les figures 3A et 3B. En NH₂-terminal, on identifie un peptide hydrophobe, pouvant être clivé, qui est décrit dans la littérature comme un peptide signal de la voie sécrétion. On rencontre ensuite le domaine répété riche en leucine, au nombre de 6 répétitions pour le clone 0 A3B. A une dizaine d'acides aminés de la fin de ce domaine se trouve une région riche en proline, thréonine et sérine, appelée ci-après région poly P/T/S. Cette région est suivie d'une région riche en cystéines, pouvant être impliquée dans des ponts disulfures. Enfin la séquence protéique se termine par un peptide signal hydrophobe.

Les ADNc des clones A3B et 2C1 présentent une homologie quasi totale 5 et sont donc considérés comme identiques, l'ADNc du clone 2C1 correspondant à une partie tronquée en 5' de l'ADNc du clone A3B.

Le clone A3B, représentatif de cette famille, a fait l'objet d'un séquençage entier dans les deux sens.

On a rapporté sur la figure 2, les sites des enzymes de restriction pour 0) chacun de ces clones Nt=nucléotides ; ATG=codon d'initiation ; TAG=codon stop.

L'analyse sur le banque de donnée PROSITE montre que la protéine A3B possède un site de N-glycosylation localisé à la fin de chaque domaine répété riche en leucine, et 12 sites potentiels de phosphorylations.

L'analyse de la localisation de cette protéine sur le serveur PSORT prédit une localisation cytoplasmique à 92%, ce qui indique que la protéine est soluble. Cette protéine est vraisemblablement ancrée à la surface par un Glycosyl Phosphatidyl Inositol ou GPI. Le peptide signal hydrophobe peut donc être clivé et permettre l'ancrage du GPI au niveau de l'asparagine (D).

Le poids moléculaire théorique de la protéine du clone A3B diffère d'environ 2,9 kDa avec celui des protéines 1A1 et W2, ce qui est en accord avec la différence de 2,5 kDa observée entre les protéines recombinantes correspondantes. Cette différence est due à la présence d'un nombre variable de répétitions riches en leucines ou LRR, chacune présentant aussi une composition en acides aminés particulière.

Les poids moléculaires apparents et théoriques des quatre types de PSA de l'invention sont rassemblés dans le tableau III suivant.

Tableau III

Type de PSA	P.M. de la protéine recombinante	P.M. théorique (non tronquée)	P.M. sans peptide signal (3,2 kDa)
4 LRR (2G1)	/	33,5 kDa	30,3 kDa
6 LRR (A3B)	42,5 kDa	38,5 kDa	35,3 kDa
7 LRR (1A1 et W2)	45 kDa	41,4 kDa	38,2 kDa

0

2 - Obtention de parasites génétiquement modifiés :

Le clonage directionnel du gène LaPSA 38s dans le vecteur d'expression pTex a permis d'obtenir une construction capable d'exprimer le gène PSA en position sens. Le plasmide pTex-LaPSA 38s orientation sens et le vecteur pTex vide ont ensuite été électroporés dans la souche sauvage *Leishmania infantum* Mon 1 Clone 1, puis les parasites ont été sélectionnés par la génotypage.

L'étude a été réalisée sur des parasites de l'espèce *L. infantum* sauvages (Sau), ceux transfectés par le pTex vide (pTex) et ceux transférés par le pTex contenant la séquence nucléotidique d'intérêt (Sens).

Caractérisation moléculaire :

5 L'analyse de l'ADN total par southern blot montre que la construction sens est stable et amplifiée chez la souche transformée. Les résultats sont illustrés sur la figure 4 qui donne les analyses des transcrits par RT-PCR chez les deux formes, promastigotes (P) et amastigotes (A). La figure 5 donne le niveau de production de la protéine par western-blotting, à l'aide d'un anticorps anti-PSA (figure 5A : 0 protéines constitutives ; figure 5B : protéines excrétées / sécrétées)

Caractérisation phénotypique des mutants :

La comparaison des cinétiques de croissance entre Ldi WT, Ldi pTex et Ldi Sens montre que la surexpression de LaPSA 38s n'interfère pas avec la croissance des parasites. Seule une phase de latence plus longue est observée pour les souches 5 transformées par rapport à la souche sauvage.

La sensibilité à la lyse par le complément humain a également été étudiée. Récemment, il a été démontré que la PSA de *L. amazoniensis* avait la propriété d'inhiber l'action du complément *in vitro*. Les promastigotes "sens" sont plus sensibles au complément. L'excès de PSA à la surface des parasites peut ainsi 0 entraîner un clivage ainsi qu'une formation de complexes plus importante engendrant une lyse accrue.

Etude de pouvoir infectieux des parasites.

Pour étudier l'effet de la surexpression de LaPSA 38s sur le pouvoir infectieux des parasites, la première approche a consisté à mettre en contact des 5 promastigotes des souches transformées avec des macrophages de chien, qui est le réservoir domestique naturel de la *leishmaniose* viscérale.

Les figures 6A et 6B donnent les résultats obtenus, respectivement, 2 h après contact avec les promastigotes et 48 h après contact avec les amastigotes sur ces figures, l'index parasitaire correspond au % de macrophages infectés par la 0 souche Sens x le nombre de parasites par macrophage/% de macrophages infectés par la souche témoin (pTex) x le nombre de parasites par macrophage.

Les promastigotes surexprimant LaPSA 38s, présentent un pouvoir infectieux 2 fois plus important vis-à-vis des macrophages canins. De plus, après phagocytose, les amastigotes exprimant le transgène possèdent une capacité à survivre et à se multiplier dans la vacuole parasitophore significativement supérieure
5 (2,5 à 5 fois) à celle du témoin transfété par le vecteur vide.

2- Caractérisation moléculaire des AES de promastigotes de *L.infantum*

La séquence de nucléotides du clone IJ11 de promastigotes de *L.infantum* est donnée sur la figure 7 (SEQ ID N°11) ainsi que la séquence correspondante
0 d'acides aminés (SEQ ID N°12).

Sur la figure 8, on a rapporté l'indice parasitaire déterminé au cours de l'infection *in vitro* de macrophages canins par la souche sauvage ou les différents clones sélectionnés de formes promastigotes de *L.infantum* (MHON/MA/67/ITMAP-263, clone 2) à différents temps d'incubation. L'examen de
5 ces résultats montre un attachement des parasites aux macrophages au bout de 30 min., une pénétration des parasites au bout de 2 heures et la survie et multiplication des amastigotes intracellulaires à 48 heures.

REVENDICATIONS

1. Constructions d'acides nucléiques, caractérisées en ce qu'elles comportent des acides nucléiques isolés en position sens, capables de coder pour une protéine immunogène de formes promastigotes ou de formes amastigotes de *Leishmania*, lesdits acides nucléiques répondant à l'une des séquences SEQ ID N°1, SEQ ID N°2, SEQ ID N°3, SEQ ID N°4, SEQ ID N°5 et SEQ ID N°11.
2. Constructions selon la revendication 1, caractérisées en ce que les séquences comprennent un site de restriction *SalI* et deux sites de restriction *HindIII*, avec un codon stop situé en aval du premier site *HindIII*.
3. Constructions selon la revendication 2, caractérisées en ce que lesdites séquences d'acides nucléiques comportent un site de restriction *EcoRV* et/ou *PstI* entre les deux sites *SalI* et *HindIII*, ou de part et d'autre du site *SalI*.
4. Constructions selon l'une quelconque des revendications 1 à 3, caractérisées en ce que lesdites séquences d'acides nucléiques sont clonées en position sens dans un plasmide, tel que pTex.
5. Constructions selon l'une quelconque des revendications 1 à 4, caractérisées en ce qu'elles codent pour une protéine immunogène de formes promastigotes ou de formes amastigotes de *Leishmania*, ces protéines répondant à l'une des séquences SEQ ID N°6, SEQ ID N°7, SEQ ID N°8, SEQ ID N°9, SEQ ID N°10 et SEQ ID N°12.
6. Protéines immunogènes isolées, caractérisées en ce qu'elles présentent une séquence choisie parmi SEQ ID N°6, SEQ ID N°7, SEQ ID N°8, SEQ ID N°9, SEQ ID N°10 ou SEQ ID N°12.
7. Souches de *Leishmania* génétiquement modifiées, caractérisées en ce qu'elles correspondent à des formes amastigotes ou promastigotes de *Leishmania* transfectées par une construction selon l'une quelconque des revendications 1 à 5.
8. Souches selon la revendication 7, caractérisées en ce qu'il s'agit de souches de *L.infantum*.

9. Procédé de transfection d'un parasite de *Leishmania*, caractérisé en ce qu'on introduit dans le parasite de *Leishmania* une construction selon l'une quelconque des revendications 1 à 5, comportant un marqueur, on sélectionne les parasites transfectés grâce audit marqueur, on les met en culture dans un milieu axénique et asérique totalement défini et on récupère le surnageant de culture qui renferme les protéines immunogènes présentes dans des concentrations de l'ordre de 10 à 20 fois supérieures à celle produite par la souche mère de *Leishmania*.

1/14

FIGURE 1

Alignement des différentes séquences ADNc obtenues

SEQ ID N ₁	A3D
SEQ ID N ₂	2C1
SEQ ID N ₃	1A1
SEQ ID N ₄	2G1
SEQ ID N ₅	W7

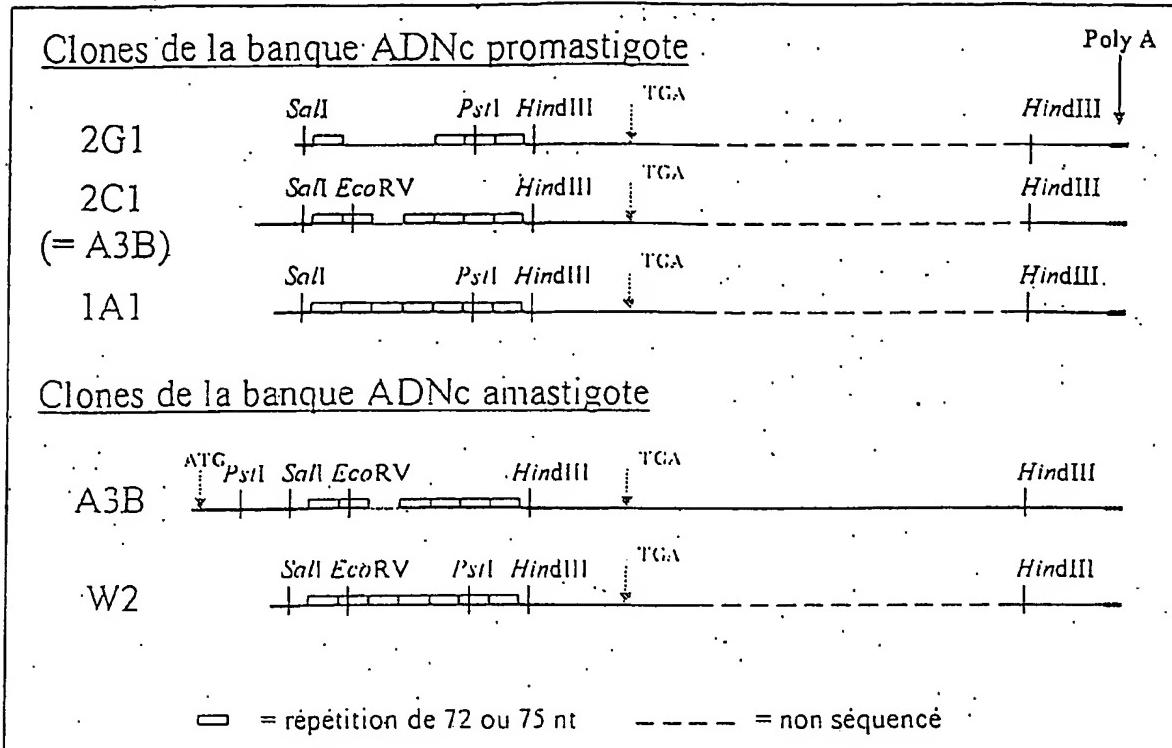
2/14

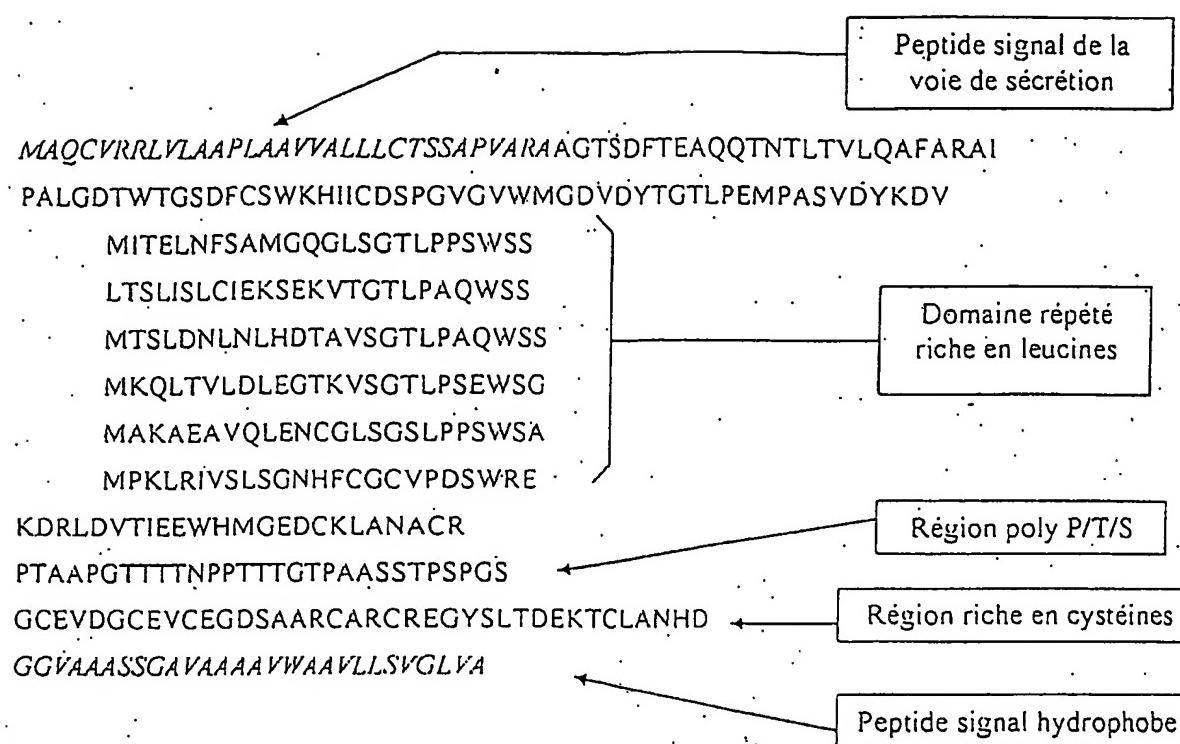
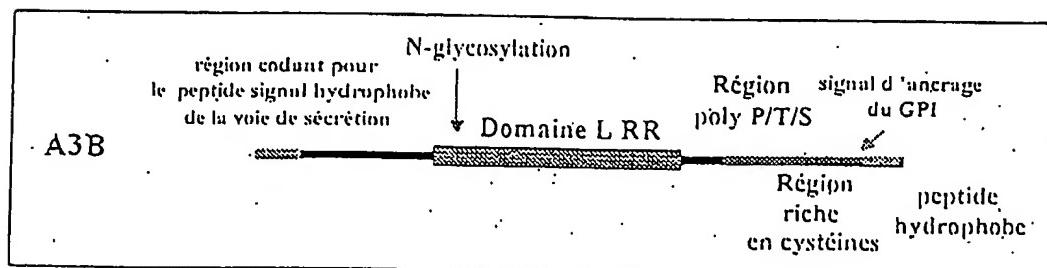
FIGURE 1 (suite)

Alignement en 3' des séquences nucléotidiques des différents clones ADNc

SEQ ID N°1	A3B
SEQ ID N2	2C1
SEQ ID N3	1A1
SEQ ID N4	2G1
SEQ ID N5	W2

Figure 34 : Alignement des séquences nucléotidiques des différents clones isolés des banques ADNe des formes promastigotes et des formes amastigotes de *L. amazonensis*

FIGURE 2

FIGURE 3AFIGURE 3B

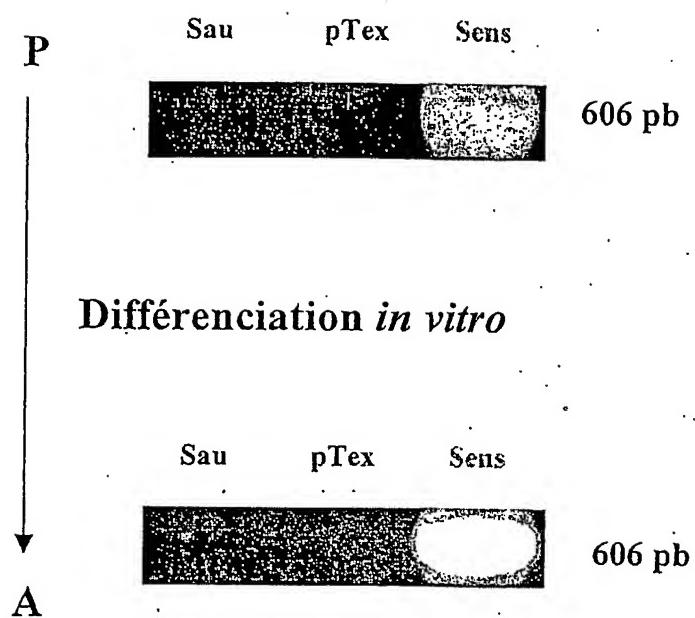


FIGURE 4

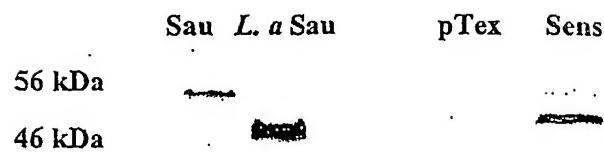
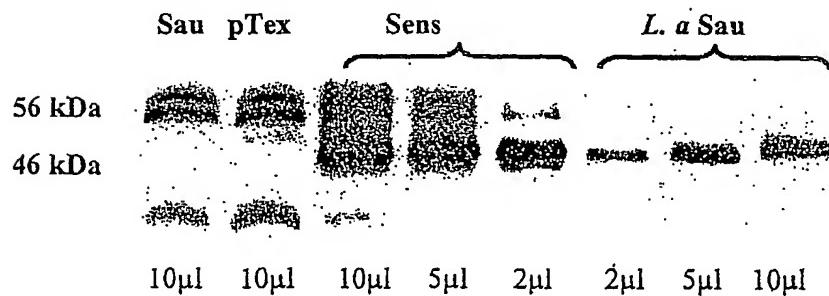
-Protéines constitutives-Protéines excrétées/sécrétées (surnageant de culture concentré 200 fois)

FIGURE 5

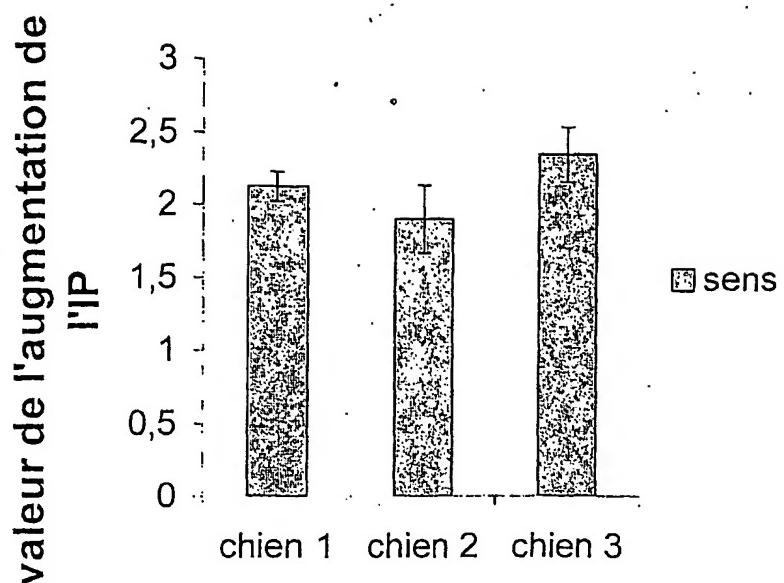


FIGURE 6A

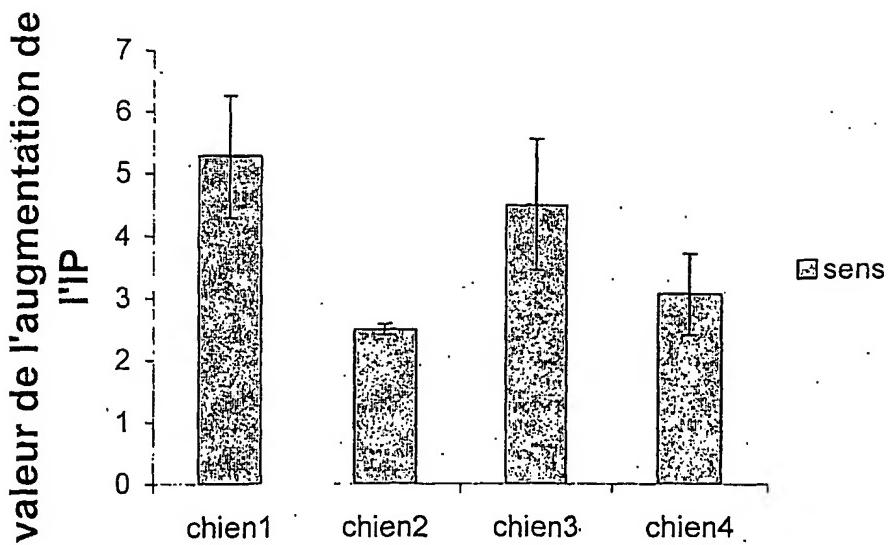


FIGURE 6B

IP=Index Parasitaire. La variation de l'IP permet d'évaluer le pouvoir infectieux de la souche d'intérêt Sens, en fonction du pourcentage de macrophages infectés et du nombre de parasites par macrophage, par rapport à une souche témoin p'Tex.

SEQ ID N°1 (Séquence nucléique A3B)

GACCCCTGTTGCGAATGGGCCAGTGCCTGGCTGGTGCTGGCGGGGCCCTCGCCGCTGTGG
TGGCGCTGCTGCTGGCAGCAGTCACCGGTGGCGGTGCTGCGGGGAGCGAGCGACTTCAGTG
AGGCGCAAGCAGACGAACACGGCTGACGGTGCCTGCAGGGCTTGCGCGTGCATCCCTGCCTGGG
GACACGTGGACGGCAGCGACTTCCTGCTCGTGGAGCACATCATCTGGACTCCCCGGCGTCGG
GTGTGGATGGCGATGTGGATTATAACCGCACGGTGCCTGGAGATGCCTGCAGCGTCAGACTACAA
GGACGTCATGATCACGGAACCTGAACTTCAGCGCAATGGGCCAGGGGCTGAGCGGGACGCTGCCCC
CCTCATGGAGCTCGTGCAGTCCTTGATATCACTGTGCATCGAAAAGTCTGAGAAGGTACCGGCA
CGCTGCCTGCCAGTGGAGCTCGATGACGTGGACAACTTAACCTGCACGACACGGGGCT
CCGGCACCGCTGCCAGTGGAGCTCGATGAGACAGCTGACCGTCTGGATCTGGAGGGGACTA
AGGTGTCGGCAGCGCTGCCAGTGGAGCTGGAGTGGGATGGGAAGGCCAGGGCGTGCAGCTGGAG
AACTGCCTGTCGGGAGCTCTGCCCTCGTGGTCTGGATGCCAAGCTGCTGATCGTCTCAC
TGAGCGGCAACCACTCTGCGGTGCGTGCCCCGACTCGTGAGGGAGAAGGACCGCCTCGATGTG
ACCACTGAGGAATGGCACATGGCGAGGACTGCAAGCTTGCTAACCGCTGCCGCCGACTGGCTGCT
CCGGGAAGGACCACGACTAACCGCCACCCACGACCGGACCCCCAGCAGCCTCTACTCTCT
CCAGGGCGGGGTGCGAGGTGGATGGTGTGAGGTGTGCGAGGGGGACTCGCTGCGCGTGC
CAGGTGCCGTGAGGGCTACTCCCTGACGGACGAGAACGCTGGGAACCAACGATGGGGCG
TGGCGGGCGTGCAGCGGAGGGTGGCTGCCCTGCTGTGTTGGCGGCTGEGCTGTTGAGCGTGG
GGCTGGTGGCGTGAGGGTGCCTGGGGGCCCTCTCTCTGTTGGTGCCTGGTGCCTGCCCTGCC
CGGCACGGCGTCTCGCTGCCCTCTCACCCCCACGAGCCAGGGGAGACCGACAGCCAACCG
GGCACGGCACACCGCGTCTGCACTCGCTGCTTCCGCCGTTGGCGCCCTGCACGGATGCAC
GGGCATGCGGAGGGCTGCACTGGCTGCGGCTGCCAGCTCTGCTGCTCTCCGTGTTGGGAGCA
GTCGGCAACCGCGCCGATCGAAATGTCGGCCGGGGCGCTGCTGCTGCGCTTGACAGCGGATGGG
GGCGCCGCCCCCTGCCGTGTCCTGCCGCTGCCGCTGCTGCTGCGCGAGGGAGACGTACCGATGCC
TGTCCGCCCTCTCGACGGGCTCGCTGCCGTGCTGCTGCTCTGCTGTTGGCTGCTGCC
TGGCGGGGTGAGAGCTGGCGGGCGTGGGTGCCTGGCGCGGGCAGCTCTCCGCTGCGTTGAGGGCG
GCCCTGCCCTGCTGCCGCGACCGTGCCTCTCTCGACGCCACTGCGCGCGCTGTTGGCTGCT
TTGCTCTGCTGCGACTCTCTCTTATTTCGTTCTGCCCTGTTCTCTCCACCGCACT
GCGGCCCTGTCACCGCGGCCGTGCCGTGCGCAGCGGGGTGATGTGCCGTTGTCCTGCC
GGCGCGCTGGCGGATGCCCTCTGCCCTCCCTCCCCCTCCGCCGGCTGCTGCAATT
GTATATCCGTGGACCTTATCTCGTACTGCCCTCCGCGCTCTCCGTAAGCTGCTGCGTTGCG
CGCCCCCGGACGTCAAGCGCCGCTGCTGCGCATGCTCACGGTGCGTCCCCGTGCGTGGCGTGC
CGTAAGGACATGTATATGTATGTGATGTATGAGTATGTATATGTACGGTTATATAGGA
ATTTGTGATGTTGAGGTGATGCACTGCGTGCCTGATATTAGTGTGCGAGCACCGCTGCG
CACGCTCTGCTGCCGCCCTCCGCTGCGTGCCTGACTCGCTGCGTGGCGGGGCTGCGTGGCG
GTGGTGGCCGTGCGGCGGGGGGCTCCCTGTTCTATTCTCTGTTCCCTGTTGACCTCA
AAAAAAAAAAAAAA

SEQ N° 2 (séquence nucléique 2C1)

CGTGGACGGGCAGCGACTCTGTCGTGGAAGGCACATCACTCTGCGACTCCCCCGCGTCGGCGTG
GGATGGCGATGIGGATTATACCGGCACGCTGCCGGAGATGCCTGCGAGCGTCGACTACAAGGAC
GTCAATGATCACGGAACTGAACCTCAGCGCAATGGGCCAGGGCTGAGCGGGACGCTGCCCGCCCTC
ATGGAGCTCGCTGACGTCCCTGATACTACTGTGACATCGAAAAGTCTGAGAAGGTCAACCGGCACGCT
GCCCTGCCAGTGGAGCTCGATGACGTGCGTGGACAACCTTAACCTGACGACACGGCGGTCTCCGG
CAAGGETGCCCTGCCAGTGGAGCTCGATGAAGCAGCTGACCGTTCTGGATCTGGAGGGCACTAAGGT
GTCGGCACGCTGCCGTECGAGTGGAGTGGCATGGCGAAGGCCAGGCCGTGAGCTGGAGAACT
GCGGTCTGTCGGAGTCTGCCCTCGTGGCTGCGATGCCAACGCTGCGTATGTCCTACTGA
GCGGCAACCACCTCTGCGGTGCGTGCCGACTCGTGGAGGGAGAACGGACCGCTCGATGTGACC
ATCGAGGAATGGCACATGGCGAGGACTGCAAGCTTGTAACGCCCTGCCCGACTGCTGCTCCG
GGAAACGACCACGACTAACCGCCACCAACCGGCACCCAGCAGCCTCTACTCCTCTCCA
GGGTGGGGTGCAGGGATGGGTGTGAGGTGTGCGAGGGGACTCCGCTGCCGGTOCGCCAG
GTGCCGTGAGGGCTACTCCGTACGGACGAGAACGCTGCGTGGCGAACCCAGATGGCGCGTGG
CGGCGCGTCGAGCGGAGCGGTGGCTGCCGCTGCTGTGTTGGCGGTGCTGAGCGTGGGGG
TGGTGGCGTGAGGGTGCAGGGGCCCTCTCTGTGGTGCCTGCCCTGCCCG
GCACGGCGTCGTGCGTGCCTCTCACCCCAACCGACGGGAGACCGACAGGCAACAGCGC
ACGCGCACACGCGTGTGCACTGCGTGTGC

SEQ N° 3 (séquence nucléique 1A1)

GGACGGGCAGCGACTTCTGCTGTGGAAAGCACATCATCTGCGACTCCCCGGCGTCGGCGTGTGG
TGGCGATCTGGATTATACCGGCACCGTCCGGAGATGCCGTGCGAGCGTCAAGGACGTC
ATGATCATGGCACTGGACTTCGGCGCAATGGGCAGGGACTGAGCAGGGACGCTGCCCTCATGG
AGCTCGTGAAGCTCTTGATGCACTGTGGATGGAAAAGTCTGAGAAGGTCAACGGCACGGTGCCT
ACCCAGTGGAGCTCGATGAGCAGCTGACCCCTCTGCATCTGAAGGCACATAAGGTGTCCGGCAGG
CTGCCGGCGAGTGGAGTGGGATGACGTCGCTGAGCACCTTAACCTGCACGACACGGCGGTCTCC
GGCACGCTGCCTGCCAGTGGAGCTCGATGAGCAGCTGATCGATCTGGATCTGGAGGGCACTAA
GGTGTCCGGCACGCTGCCCGAGTGGAGTGGGATGGGAAGGGCGAGGCCGTGAGCTGAAGT
ACTGCGATCTGCCGGAGTCTGCCCTCGTGGCTTGGATGAGGAGAAGGACCGCCTCGATGTA
GAGCGGCAACCACCTGGGGGTGCGTGCCTGAGCTGGAGGGAGAAGGACCGCCTCGATGTA
CCATCGAGGAATGGCACATGGCGAGGACTGCAAGCTGTAACGCTGCCCGAGTGTGTC
CGGGAACGACCAAGACTAACCGCCCACCAACCGACCGCACCCAGCAGCTCTCTACTCTCTC
CAGGGTGGGGTGCAGGGTGGATGGGTGAGGTGCOAGGGGACTCCGCTGCGCGGTGCGCC
AGGTGCCGTGAGGGCTACTCCCTGAGGGACGAGAAGACGTGCGTGGCAACCACGATGGCGGCGT
GGCGGCGGCGTCAGCGGAGGGTGGCTGGCTGCGTGGCTGCGTGGCGTGGCTGCCCTCGCGC
CCAGCACGGCGTCGCTGCCCTCTCACCCCAACAGCGAAGGGGAGACCGACAGCCACACGC
ACACGCGCACGGCGCTGCGATCGCGTGCCTCCCGTGTGGCGCTGCCGGAATGCGAG
GGCATGCGGAGGGCTGCAIGCGTGTGGCGTGCAGCTCTGCTGCTGCTCCGTTGGCGAGCAG
TCGGCACCCCGCGCGATCGAATGTGGCGGGGGGGGGTGTGCGCTTGGACAGCGGATGCGG
GCCCGCCCTGCGCTGCGCTGCCGTGCGTGTGCGTGGCGAGCGACGCGATGCGG

SEQ N°4. (Séquence nucléique 2G1)

Figure 7 Suite

SEQ N° 5 (Séquence nucléique W2)

CCGGCGTCGGCGTGTGGATGGCGATGTGGATTATACCGGCACGCCGAGAT
GCCCGCGAGCGTCGACTACAAGGACGTCACTGATCACGGAACTGAACCTCAGCGC
AATGGGCCAGGGCTGAGCGGGACGCTGCCCTCATGGAGCTCGCTGACGTCC
TTGATATCACTGTGCACTGAAAAGTCTGAGAAGGTACCCGGCACGCTGCCCTGCC
AGTGGAGCTCGATGACGTCGCTGGACAACCTTAACCTGCACGACACGGCGGTCTC
CGGCACGCTGCCGCCGAGTGGAGTGGATGACGTGCGCTGGACGACCTTAACCTG
CACGACACGGCGGTCTCCGGCACGCTGCCCTGGAGCTCGATGAAGCAG
CTGATCGATCTGGATCTGGAGGGCACTAAGGTGTCCCCCACCGTGCCGCCAGT
GGAGTGGATGGCGAAGGCCGAGGCCCTGCAGCTGAAGTACTGCGATCTGCG
GGAGTCTGCCCTCGTGGCTTCGATGCGAGAACGCTGCGTATCGTCTOACTGAG
CGGCAACCACTTGTGCGGGTGGCTGCCGACTCGTGGAGGGAGAACGGACCGC
CGATGTGACCATCGAGGAATGGCACATGGCGAGGACTGCAAGCTTGCTAACGG
CTGCCGCCGACTGCTCCGGAACGACCAACGACTAACCCGCCACCACCAAC
GGCACCCAGCAGCCTCTACTCCTCAGGGTGGCGAGGTGG
ATGGGTGTGAGGTGTGCGAGGGGACTCCGCTGCGCGGTGCGCCAGGTGCGCTG
AGGGCTACTCCTGACGGACGAGAAAGACGTGCTGGCGAACACGATGGCGGCGT
GGCGCGGCGTCAAGCGGAGCGGTGGCTGCCGCTGCTGTGGCGGCTGEGCT
GTTGAGCGTGGGCTGGTGGCGTAGGGTGCCGCCCTCTCTGCTGCG
CCCCTGGTGCCTGCCCTGCCGCCAGCACGGGGTCGTCGCTGCCCTCTCACCCCA
CCAGCCGAAGGGAGACCGACAGCCACACGGACACGCCACGCCGCCGTGGTGA
TCGCGTGTGCTTCCGCCGTGTGGCCCTGCCGGATGCAAGGGATGCGGAGG
CGTGCATGCGTGTGCGCGTGCCAAGTCTGTGTCTCCGTGTGGCCAGCAGTC
GGCACCC

Figure 7 suite

SEQ N°11 (Séquence nucléique IJ11 de Ldi)

GCGCTGCTGCCGCTGGCGCTGTTGTGTGCTGGGGCCGCCACGCA
 CACGCACGGTAGTGAGGGGGAGCCGCAGCGACCGACCAGGGCAGCGGGC
 GGGCGGAGGGGGCGCTCCGCCGCTGGCATGCTCTGTGTTCGCTGG
 CGGGCCTCTACGCCGCTGGCGTGGCGAGCTCCGCGCTGCGTATCGC
 TCGCCCCCTCGCTGCCCTCCCTGCCCTCCTCATGTGCACTGCTCCCTCC
 CTCTCCCTCCCTACACTCCTCGCTGTCCCTGCCGACCTCCACCGA
 CACGCAGACGTGCGTGCACACACCAACCCCTCACCTCGCTGCTGCTG
 CTGTGACAGCTCTACGACCCCTGCCAGTCGCTGCCCCCCGCCACCCGC
 CTCTGTCCCCCGCACGAGGGTACCTACGACGTGCCGCCACCCGCTCTG
 CCCGATAAGCTGAGCTGGCGCTACGCCGAGCAATCCCCTACGGATCT
 GCTGCCGCCGCACTGCTCTGACCCCTGGCTGCGAATGGCGCTGTGCGT
 GCGTGGCTGGTGCTGGCGGAGCCCTGCCGCTGTGGTGGCGCTGCTGC
 TGTGACGAGCAGTGCGCCGGTGGCGCTGCTGTGAAGGATGACTTC
 ACTGCTGCCAGCGAACACGCTGGCGGTGCTGGAGGCCTTGGCG
 TGCGATCCCTGAGCTTGGAAAGCTGTGGAAGGGCGACGACTTCTGC
 TTTTGGGAGTCGGTCGTGCGATGTGACCGAAGTGTACTTGTGGAA
 ATCGGTGCGACGTATAACGGCACGCTGCCGAGATGCCGTGGACGTCGA
 CTACACGGCCGTATGGTCAAGCACCTCGACTTTCCCAAATGGGCTGG
 GGCTGAGCGGAACGCTGCCGACAGCTGGAGCAGGCTGCAGGGACTGACC
 TCACCTACGTTGTCGGGCTGCCGCTGAGCGGTACGCTGCCCTCGTG
 GCGCTCGATGAAAGTCTTGGTGTGCTGTGGATTGAGAGTTGTGAAAGTG
 TTACCGGCAAGCTGCCCTGAGTGGAGCTCGATGAAATCGCTGAGAGAT
 CTCCATCTGCATGGCGCAAGGTTCCGGCACGCTGCCGCTGAGTGGAG
 CACGATGAAATCGCTGCCCTCTCGATCTGAGGACACTCAGGTTACCG
 GCAGTCTGCCGCTGAGTGGAGCTCAATGAAATCCATGACCATTCTCAGT
 CTGAATGGCGCGAAGGTTCCGGCACGCTGCCACCCAGTGGAGCTCGAT
 GACATCGCTGAGCCTCTCAGTCTGGAGGGTACTCAGCTCTCCGGCACGC
 TACCGCCCCAGTGGAGTGGATGACATCGCTGGTACGCTTTCTGCA
 GGGTACTCAGGTCTCCGGCACTCTGCCCGCAGTGGAGATCGATGTTGAA
 TGCCGAGTTCCCTGCAGCTGGAGAACTGCGACCTGTCGGCTGTTGCC
 CGAGTGGCTGCGATGCCGAAGCTGCGTCATGCGAACCTTAAGGGCAACCA
 GTTCGCCGGGTGTGTCGGGACTCGTGGGCTCAGAAGGCCGGTCTCGTGT
 GGAAATCGAGGATAAGCACACGGCAAAGCTGCATTGCTGGTGCAGGACTG
 CGCAACGACGACCACGACCACACTGAACCCACGTCGACTGCGAGCCAAAC
 AGCCACGCCTACCTCTGCCCTGGAGACGGAGTGCAGGGTGGATGGGTGTGA
 GGTGTGCGATGGGACTCCGGCGAGGTGCGCCAGGTGCCGTGAGGGCTA
 CTTCTGACGGACGAGAGGACGTCGCTGGTGTACCGCGATGGCGCGTGT
 GGCGTGTGCGATCGGAGCGGCTGCTGCCGCTGTTGTGCGATGGCTGTGCT
 GCTGAGCGTGGGCTGCCGGCTGAGGATGCCGCTGCTGCGCAGGC
 GGCAGGCAACCGCTGCCGTGGCACAGACTGCGTGCCTGCGTGCAGCACCGC
 CCCTGCATTGGCGTGCCTGCGTGTGCCGTCTGCGTGCATGGCTGCGTGAAGGT
 GCCTTCGTCCTGCCCTCGCTGCCCTGCCCTCTCCCGCGTGTGAATGCT
 GTGGGCTGTGTTGGGCTCTCGTGCAGGCGCTGCTGTACGGCTGCTGCTTC
 TTCTCCACCCCTCTCGCATGCCGGAGGGAGGGTGGCACGTGCGC
 GTGTGCCGCTGCGTGTGCGAGTGCCTGCGTGTGGCCTTACCGACGTGC

Figure 7 suite

TACGGTCACGCCCTCTGGCTGGCACTCGCGGCGCTGAGGGCGGTGTGCC
CTTCCCCTCGAGCGCCGTCGCACTCTCTTCCGCCTGCCGGCTTCT
TCGTGCGCTGTGCTCAGCGTGCCTCACCTCTTCCCTTTCATTGC
TTGTCTTCTCTCTCCCCCGCA&TGCGGTCTCCCTCCTGCCGTGC
GGTGCAGGGCGGTGACTTGCCGTTGCGTCTCCCCCTTCGTGGAGCGCT
GAGCCGATCCCCCTCGGCCTCCCTCCCTCCCTCCGTGGGTCTGTCT
GTTGTACATCGTCGGACCGTCTTCGTGTTGCCCTCCGCACCTCCGCA
AATCTGCGCTCGCCTGTGCCGCTCTGGACTTTATCCTTACTGTGATTGT
ATTCTCACGGTGCCTCCGTGTGTGTGTTGCCACGCACCGCTTCTCCA
TGTGTGCTTGCTCTCGTCTGCCCTGCCCTCTGCCCTCACACATT
CCGTGCGTGTGTCATCACCCTGGCGGCGACATCGGTGCCGTCCCTGC
CACCCCTACTCCCTCATTCTTGCCTTCGTGGCGGTGCGTGCATGC
ATGGATGTATATACACGCATAGAGGGGTGGGACGCCGGGATCCTCTAGA
GTGGACCTGCAGGCATGCAAGCTGGCGTAATCATGGTCATAGCTGTTCC
TGTGTGAAATTGTTATCCGTCACAATTCCACACAATACGAGCCGGAAG
CATAAAGTGTAAAGCCTGGGTGCCTAATGAGTGAGCTAACTCACATTAAT
TGCCTGCGCTC

Figure 7 suite

SEQ N° 6 (Séquence protéique A3B) (sens direct) 372 aa
 MAQCVRLVLAAPLAAVVALLLCTSSAPVARAAGTSDFTEAQQNTLTQLQAFARAIPAL
 GDTWTGSDFCWKHIICDSPGVGVWMGDVDYTGTLPMPASVDYKDVMITELNFSAMGQG
 LSGTLPSSWSSLTSLSLCIEKSEKVGTLPQAQWSMTSLDNLNLDHTAVSGTLPAQWSS
 MKQLTVLDLEGTKVSGTLPSEWSGMAKAEAVQLENCGLGSGLPPSWSAMPKLRIVSLSGN
 HFCGCPDSWREKDRDVTIEEWHMGEDCKLANACRPTAAPGTTTNPPTTGTPAASST
 PSPGSGCEVDGCEVCEGDSAARCARCREGYSLTDEKTCLANHDGGVAAASSGAVAAA
 AAVALLSVGLVA*

SEQ N° 7 (Séquence protéique 2C1) (sens direct) 287 aa
 MGDVDTGTLPEMPASVDYKDVMITELNFSAMGQGLSGTLPPSWSSLTSLSLCIEKSEK
 VTGTLPAQWSSMTSLDNLNLDHTAVSGTLPAQWSSMKQLTVLDLEGTKVSGTLPSEWSG
 MAKAEAVQLENCGLGSGLPPSWSAMPKLRIVSLSGNHFCCGCPDSWREKDRDVTIEEWHM
 GEDCKLANACRPTAAPGTTTNPPTTGTPAASSTPSPGSGCEVDGCEVCEGDSAARCAR
 CREGYSLTDEKTCLANHDGGVAAASSGAVAAA
 AAVALLSVGLVA*

SEQ N° 8 (séquence protéique 1A1) (sens direct) 311 aa
 MGDVDTGTLPEMPASVDYKDVIMALDFGAMGQGLSGTLPPSWSSLTSLSLWIEKSEK
 VTGTLPTQWSSMKQLTLLHLKGTKVSGTLPPEWSGMTSLDDLNLDHTAVSGTLPAQWSSM
 KQLIDLDLEGTKVSGTLPPEWSGMAKAEALQLKYCDLGSGLPPSWSSMQKLRLIVSLSGNH
 FCGCPDSWREKDRDVTIEEWHMGEDCKLANACRPTAAPGTTTNPPTTGTPAASSTP
 SPGSGCEVDGCEVCEGDSAARCARCREGYSLTDEKTCLANHDGGVAAASSGAVAAA
 AVALLSVGLVA*

SEQ N° 9 (Séquence protéique 2G1) (sens direct) 238 aa
 MGDVDTGTLPEMPASVDYKDVMITELNFGAMGQGLSGTLPPSWSSMKQLIDLDLEGTKV
 SGTLPPPEWSGMAKAEALQLKYCDLGSGLPPSWSSMQKLRLIVSLSGNHFCCGCPDSWREKD
 RLDVTIEEWHMGEDCKLANACRPTAAPGTTTNPPTTGTPAASSTPSPGSGCEVDGCEV
 CEGDSAARCARCREGYSLTDEKTCLANHDGGVAAASSGAVAAA
 AAVALLSVGLVA*

SEQ N° 10 (Séquence protéique W2) (sens direct) 271 aa
 MGDVDTGTLPEMPASVDYKDVMITELNFSAMGQGLSGTLPPSWSSLTSLSLCIEKSEK
 VTGTLPAQWSSMTSLDNLNLDHTAVSGTLPPPEWSGMTSLDDLNLDHTAVSGTLPAQWSSM
 KQLIDLDLEGTKVSGTLPPEWSGMAKAEALQLKYCDLGSGLPPSWSSMQKLRLIVSLSGNH
 FCGCPDSWREKDRDVTIEEWHMGEDCKLANACRPTAAPGTTTNPPTTGTPAASSTP
 SPGSGCEVDGCEVCEGDSAARCARCREGYS*

SEQ N° 12 (Séquence protéique IJ11 de Ldi) (sens direct) 464 aa
 MALCVRLVLAATLA
 AVVALLCTSSAPVARAAVKDDFTAAQRTNTLAVLEAFG
 RAIP
 ELGKLWKGDDFCWESVVRCDRSVLGGKSVR
 RIPARCRCLWTSTTRPSW
 SSTSTFPKWGWGAERCR
 TAGAGCRDWPHLRCRAAA
 AWYRCPPRGARW
 SLWCR
 CG
 LRVVKVLPASCRLSGAR
 WNRWEISICMARRF
 PARCRLSGAR
 WNRWPF
 SICRTL
 RL
 PAVCRLSGAQWN
 PWPSVWMARRF
 PAR
 CHPSGAR
 WHRWAF
 SVWR
 VLSSPAR
 YRPSGSGMTSLV
 TFLQGTQVSGTLP
 PQWRSMLNAEFLQ
 LENCDL
 SGCLP
 PEWA
 MP
 KLRHVELKG
 GNQFAGC
 VPD
 SWA
 QKAGLV
 VEIEDK
 HTG
 NSCIAG
 ADCATT
 EPT
 STASPTAT
 PTSAP
 ETCE
 VDG
 CEV
 C
 DGS
 AAR
 CAR
 CREGY
 FLT
 DERT
 CLV
 YRD
 GGV
 VAV
 SIGAAAA
 AVCM
 AVLL
 SVGLAA*

Figure 7 suite

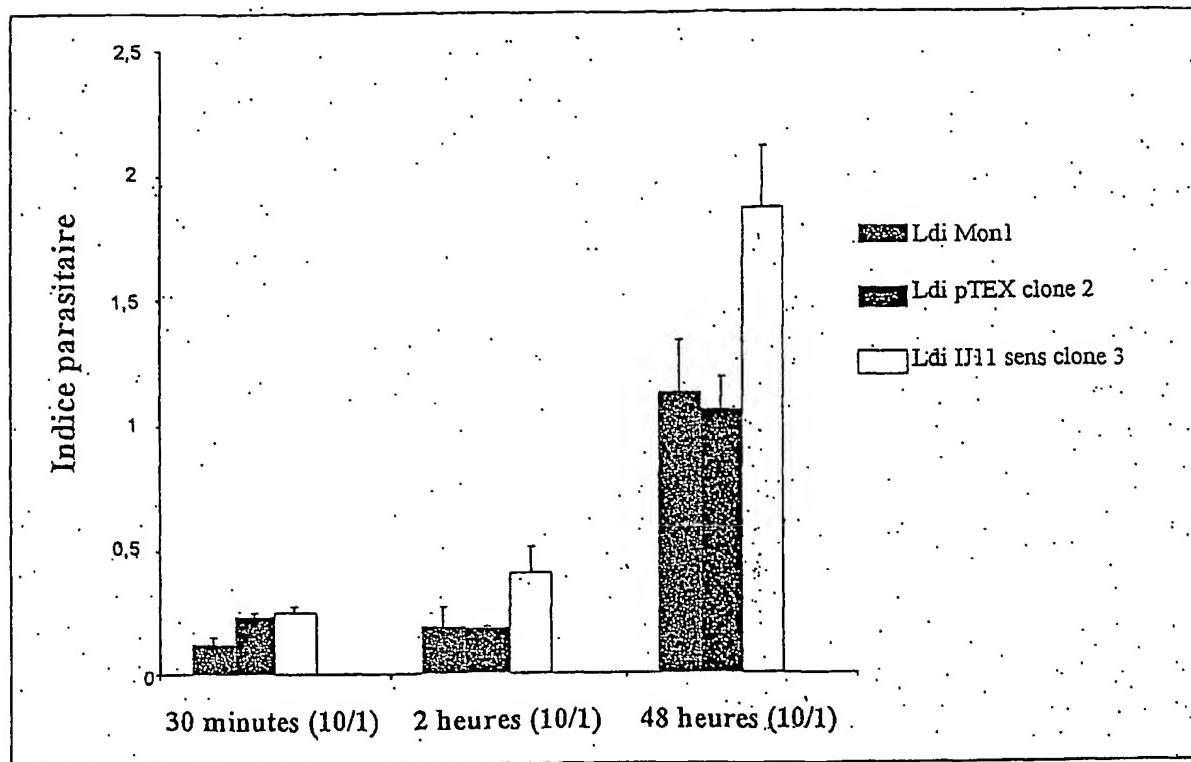


Figure 8

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- BLACK BORDERS**
- IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**
- FADED TEXT OR DRAWING**
- BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**
- SKEWED/SLANTED IMAGES**
- COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**
- GRAY SCALE DOCUMENTS**
- LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**
- REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**
- OTHER:** _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.